

BADANIA OPERACYJNE

PRZYKŁADY ZASTOSOWAŃ



WYDAWNICTWO
UNIwersytetu
ŁÓDZKIEGO

BADANIA OPERACYJNE

PRZYKŁADY ZASTOSOWAŃ



WYDAWNICTWO
UNIwersytetu
ŁÓDZKIEGO

BADANIA OPERACYJNE

PRZYKŁADY ZASTOSOWAŃ

pod redakcją Jana B. Gajdy
i Radosława Jadcza

 WYDAWNICTWO
UNIwersytetu
ŁÓDZKIEGO

ŁÓDŹ 2015

Jan B. Gajda, Radosław Jadczyk – Uniwersytet Łódzki, Wydział Ekonomiczno-Socjologiczny
Katedra Badań Operacyjnych, 90-214 Łódź, ul. Rewolucji 1905 r. nr 41/43

RECENZENT

Stefan Grzesiak

SKŁAD I ŁAMANIE

Barbara Lebioda

PROJEKT OKŁADKI

Stämpfli Polska Sp. z o.o.

Zdjęcie wykorzystane na okładce: © Shutterstock.com

Wydrukowano z gotowych materiałów dostarczonych do Wydawnictwa UŁ
przez Wydział Ekonomiczno-Socjologiczny

© Copyright by Uniwersytet Łódzki, Łódź 2015

Wydane przez Wydawnictwo Uniwersytetu Łódzkiego
Wydanie I. W.06524.14.0.K

Ark. druk. 15,875

ISBN 978-83-7969-577-5 (wersja papierowa)
ISBN 978-83-7969- 578-2 (wersja online)

Wydawnictwo Uniwersytetu Łódzkiego
90-131 Łódź, ul. Lindleya 8
www.wydawnictwo.uni.lodz.pl
e-mail: ksiegarnia@uni.lodz.pl
tel. (42) 665 58 63, faks (42) 665 58 62

Druk i oprawa: Quick Druk

SPIS

Wprowadzenie	7
Magdalena Baranowska , Porównanie efektywności wybranych algorytmów rozwiązywania problemu wielu komiwojażerów na przykładzie firmy farmaceutycznej.....	13
Aleksandra Bartosiewicz , Porównanie organizacji procesów rozładowniczych na DCT Gdańsk i Euromax Rotterdam.....	27
Renata Dudzińska-Baryła , Wpływ zmiany wartości punktu referencyjnego na ocenę wariantu decyzyjnego na gruncie kumulacyjnej teorii perspektywy	43
Agata Gluzicka , Zastosowanie programowania liniowego do wyznaczania wielo- okresowych portfeli inwestycyjnych	57
Dorota Górecka , Zastosowanie metod wielokryterialnych w procesie ubiegania się o akredytację międzynarodową AACSB	69
Radosław Jadczak , Wpływ elementów algorytmu genetycznego na proces poszu- kiwania rozwiązania optymalnego.....	89
Robert T. Jóźwiak , Zastosowanie programowania matematycznego do wspomaga- nia transgranicznego wyboru miejsca opodatkowania.....	107
Michał Kameduła , Zastosowanie koewolucyjnego algorytmu genetycznego do wyboru optymalnego składu portfela funduszy inwestycyjnych	123
Grzegorz Koloch, Bartosz Głowinkowski , Stabilność out-of sample potencjału dywersyfikacyjnego procedur portfelowych.....	139
Ewa Michalska , Zastosowanie wskaźnika omega w podejmowaniu decyzji przy niepełnej informacji liniowej	153
Marek Nowiński , Statystyki dyskryminacyjne dla danych zastępczych w testowaniu determinizmu nieliniowych procesów dynamicznych	167
Artur Prędko , Zastosowanie wieloproduktowego modelu Bankera w analizie efek- tywności techniczne	183
Ewa Roszkowska , Zastosowanie zbiorów rozmytych oraz podwójnie rozmytych w procesie podejmowania decyzji negocjacyjnych	197
Przemysław Szufel , O zarządzaniu przestrzeniami parametrów w obiektowych modelach symulacyjnych.....	213
Krzysztof Targiel , Drzewa decyzyjne w wycenie opcji realnych	225
Mateusz Zawisza, Bogumił Kamiński , Wpływ dyskredytacji zmiennej decyzyjnej na osiągnięcie równowagi w modelu konkurencji oligopolistycznej.....	237

Wprowadzenie

Artykuł *Porównanie efektywności wybranych algorytmów rozwiązywania problemu wielu komiwojażerów na przykładzie firmy farmaceutycznej* (Magdalena Baranowska) porusza problem projektowania tras przewozowych w przedsiębiorstwie. Wśród wielu decyzji podejmowanych w zakresie transportu, zagadnienie marszrutyzacji zasługuje na szczególną uwagę. Wybór odpowiedniej metody pozwala na optymalizację czasu przewozu, długości drogi przebytej przez pojazdy, a co za tym idzie, na obniżenie kosztów obsługi transportowej. Celem artykułu jest zastosowanie wybranych algorytmów heurystycznych w optymalnym zaplanowaniu tras pojazdów w przedsiębiorstwie. Rozwiązywany problem decyzyjny został sformułowany na podstawie danych dotyczących sieci dystrybucji przedsiębiorstwa działającego w branży farmaceutycznej. Uzyskane wyniki porównano z rozdziałem zadań przewozowych dokonany przez pracownika działu transportu w badanej firmie, a następnie zanalizowano różnice w uzyskanych wynikach oraz, na tej podstawie, efektywność użytych metod.

Od 2007 r. DCT Gdańsk stał się najważniejszym w Polsce terminalem kontenerowym zdolnym przyjmować największe statki świata z serii Triple-E mieszczące na pokładzie ponad 18000 kontenerów dwudziestostopowych. Ponadto, już w 2010 r. dane *Ocean Shipping Consultants Ltd.* wskazywały, że transport kontenera z Szanghaju przez Gdańsk do Warszawy kosztuje ok. 28% mniej niż przez Rotterdam i ok. 20% mniej niż przez Hamburg. Ponieważ Gdańsk jest położony bliżej rynków wschodnich Bałtyku aniżeli oba wspomniane powyżej porty, również na liniach żeglugowych do innych portów bałtyckich w porównaniu z Rotterdamem DCT zapewnia ponad 10% oszczędności, a w stosunku do Hamburga oszczędności te wynoszą nawet 15%. Artykuł *Porównanie organizacji procesów rozładowniczych na DCT Gdańsk i Euromax Rotterdam* (Aleksandra Bartosiewicz) dokonuje porównania organizacji procesów rozładowniczych na terminalu gdańskim i rotterdamskim oraz ocenia efektywność stosowanych w obu tych portach rozwiązań technologicznych.

W kumulacyjnej teorii perspektywy głównym novum jest traktowanie wyników decyzji w kategoriach względnych, jako zyski i straty odniesione do pewnego punktu referencyjnego. Przyjęło się, że punkt taki reprezentuje obecny lub pożądany stan posiadania. Stan ten może ulegać zmianom, spowodowanym na przykład wynikami wcześniejszych decyzji czy też czynnikami psychologiczno-ekonomicznymi. Celem pracy *Wpływ zmiany wartości punktu referencyjnego na ocenę wariantu decyzyjnego na gruncie kumulacyjnej teorii perspektywy* (Renata

Dzudzińska-Baryła) jest zbadanie wpływu zmian punktu referencyjnego na ocenę wariantu decyzyjnego na gruncie kumulacyjnej teorii perspektywy oraz na relację preferencji między dwoma wariantami decyzyjnymi.

Sytuacja na rynku inwestycyjnym zmienia się w sposób dynamiczny, dlatego istotnym elementem procesu inwestycyjnego jest dokonywanie zmian w portfelu inwestycyjnym. Z reguły do wyznaczania strategii wielookresowej wykorzystywane są metody programowania dynamicznego lub metody programowania stochastycznego. W artykule *Zastosowanie programowania liniowego do wyznaczania wielookresowych portfeli inwestycyjnych* (Agata Gluzicka) przedstawiony zostanie model optymalizacyjny służący do wyboru wielookresowego portfela inwestycyjnego. Rozwiązanie tego modelu otrzymujemy stosując metody programowania liniowego. Omówiony model zostanie zastosowany do wyznaczenia portfeli inwestycyjnych dla danych z GPW w Warszawie.

AACSB (*The Association to Advance Collegiate School of Business*) to prestiżowa, globalna organizacja typu non-profit, której głównym celem jest poprawa jakości edukacji w zakresie nauk ekonomicznych. Jedną z głównych form działania tej założonej w 1916 roku organizacji jest akredytowanie na całym świecie szkół wyższych realizujących programy nauczania w obszarze biznesu, zarządzania oraz rachunkowości na studiach licencjackich, magisterskich i doktoranckich. Przedmiotem akredytacji prowadzonej przez *AACSB International* są m.in. programy nauczania, szeroko rozumiana organizacja studiów, osiągnięcia naukowe, kwalifikacje i struktura zatrudnianej kadry, realizacja różnych form współpracy międzynarodowej, baza dydaktyczno-naukowa oraz obsługa administracyjna. Uzyskanie akredytacji AACSB wymaga przejścia przez wieloetapowy proces, w trakcie którego konieczne jest podejmowanie wielu różnorodnych decyzji. Celem pracy *Zastosowanie metod wielokryterialnych w procesie ubiegania się o akredytację międzynarodową AACSB* (Dorota Górecka) jest przedstawienie możliwości wykorzystania metod wielokryterialnych opartych na relacji przewyższania w procesie selekcji instytucji edukacyjnych do grupy szkół porównywalnych z placówką starającą się o przyznanie międzynarodowej akredytacji AACSB.

Algorytmy genetyczne stanowią pewnego rodzaju uniwersalne narzędzie wspomagające proces podejmowania decyzji, w szczególności w poszukiwaniu rozwiązania optymalnego. Stanowią one metaheurystykę, czyli zbiór reguł budowy konkretnych algorytmów heurystycznych. Ich elastyczność pozwala na szerokie zastosowania zarówno w optymalizacji funkcji rzeczywistych, jak również problemów kombinatorycznych. Właściwy dobór poszczególnych elementów algorytmu, ich konstrukcja, czy wreszcie odpowiednia parametryzacja mogą mieć znaczący wpływ na jakość uzyskiwanych wyników. W artykule *Wpływ elementów algorytmu genetycznego na proces poszukiwania rozwiązania optymalnego* (Radosław Jadczyk) zaprezentowana zostanie próba analizy wpływu

wybranych meto selekcji, krzyżowania i mutacji na wyniki uzyskiwane przez algorytm genetyczny na przykładzie problemu optymalizacji kombinatorycznej, jakim jest zagadnienie układania tras pojazdów.

W pracy *Zastosowanie programowania matematycznego do wspomagania transgranicznego wyboru miejsca opodatkowania* (Robert T. Jóźwiak) dokonano próby konstrukcji i zastosowania modelu opartego na metodach programowania matematycznego, mającego zadanie wspierania podatkowego procesu decyzyjnego polskiego rezydenta będącego osobą fizyczną prowadzącą transgraniczną działalność gospodarczą na terenie Polski i Niemiec. Wybór Niemiec nie jest przypadkowy. To właśnie ten kraj stanowi największy cel polskich aktywności gospodarczych, co powoduje duże znaczenie praktyczne prowadzonych badań. Z drugiej strony wyjątkowo skomplikowany system podatkowy naszego zachodniego sąsiada ma istotne znaczenie metodyczne i dlatego doskonale się nadaje do przedstawienia proponowanych rozwiązań.

W artykule *Zastosowanie koewolucyjnego algorytmu genetycznego do wyboru optymalnego składu portfela funduszy inwestycyjnych* (Michał Kameduła) przedstawiony zostanie przykład zastosowania algorytmu genetycznego do optymalizacji portfela inwestycyjnego. Obliczenia przeprowadzono dla danych dziennych o wartości jednostek uczestnictwa 211 różnych funduszy inwestycyjnych za okres od 4.04.2012 do 5.09.2013. Jakość portfela jest oceniana jako ważona funkcja średniej stopy zwrotu i jej semiwariancji celowej. Ponieważ portfele uzyskiwane w analizach są optymalne w sensie Pareto a optymalny wybór zależy od osobistych preferencji inwestora wykorzystano podział populacji na nisze aby uzyskać zestaw portfeli o zróżnicowanych parametrach. W tym celu zastosowano podejście koewolucyjne, czyli równoczesne przetwarzanie zbioru autonomicznych podpopulacji z częściową wymianą materiału genetycznego pomiędzy nimi.

Przedmiotem pracy *Stabilność out-of-sample potencjału dywersyfikacyjnego procedur portfelowych* (Grzegorz Koloch, Bartosz Głowinkowski) jest stabilność *out-of-sample* potencjału dywersyfikacyjnego procedur portfelowych, w zależności od reguły decyzyjnej, na podstawie której dokonywany jest wybór dźwigni w ramach zastosowanej procedury portfelowej. Rozważane są trzy procedury portfelowe: portfel Markowitza, portfel skonstruowany w oparciu o teorię Kelly'ego oraz portfel skonstruowany w oparciu o wskaźnik Sharpe'a. Pokazano, że reguła decyzyjna polegająca na wyborze najlepszej (optymalnej w sensie *in-sample*) konfiguracji dźwigni dla instrumentów portfela, skutkuje, w przypadku każdej z przebadanych procedur portfelowych, stosunkowo niską stabilnością jej potencjału dywersyfikacyjnego. Zaproponowano regułę decyzyjną, która prowadzi do wyższej stabilności potencjału dywersyfikacyjnego w ramach każdej z rozważanych procedur portfelowych.

W ramach analizy decyzyjnej wypracowano szereg reguł podejmowania decyzji w warunkach ryzyka czy też niepewności. Rozważając sytuację pośrednią pomiędzy podejmowaniem decyzji w warunkach ryzyka a podejmowaniem decyzji w warunkach niepewności, tzn. sytuację, kiedy decydent dysponuje jedynie niepełną informacją na temat prawdopodobieństw zaistnienia stanów natury w postaci przedziałów wartości tych prawdopodobieństw lub określonego porządku, mówimy o podejmowaniu decyzji w warunkach niepełnej informacji (niepełnej informacji liniowej). Celem artykułu *Zastosowanie wskaźnika omega w podejmowaniu decyzji przy niepełnej informacji liniowej* (Ewa Michalska) jest zaproponowanie reguły wyboru opartej na wskaźniku omega oraz jej zastosowanie do problemów decyzyjnych przy niepełnej informacji liniowej.

Jednym z głównych problemów pojawiających się w zaawansowanej analizie dużych zbiorów danych opisujących zjawiska finansowe i ekonomiczne jest zagadnienie szacowania pewnych własności układów dynamicznych generujących te dane tylko na podstawie pojedynczych szeregów czasowych obserwacji oraz wybór metod oceny wiarygodności uzyskanych rezultatów. Na przykład wybrane miary nieliniowe, łącznie z prostymi testami opartymi na wartościach współczynników asymetrii lub korelacjach nieliniowych, są często (ale niestety nieskutecznie) stosowane do szeregów czasowych w celu zidentyfikowania w nich obecności deterministycznych zachowań nieliniowych, a nawet chaotycznych. W celu wykazania nieliniowości trzeba przede wszystkim odrzucić hipotezę, że zależności w danych mogą być wyjaśnione przez model liniowy, co zazwyczaj zmusza nas do wykorzystywania metody danych zastępczych (*surrogate data*), aby uzyskać większy stopień jednoznaczności otrzymanych wyników. Metoda ta polega na porównywaniu wartości wybranych statystyk nieliniowych, uzyskanych na podstawie analizowanych danych, do przybliżonych rozkładów wartości tych statystyk opracowanych dla różnych typów układów liniowych. Ma to na celu sprawdzenie, czy analizowane dane mają takie własności, które w sposób jednoznaczny odróżniają je od procesów generowanych przez liniowe układy stochastyczne. Analiza danych zastępczych umożliwia testowanie konkretnych hipotez o charakterze układów, z których pochodzą badane obserwacje, a wykorzystywane miary nieliniowe stanowią zazwyczaj dobre oszacowania pewnych ilościowych charakterystyk tych układów. Opracowanie *Statystyki dyskryminacyjne dla danych zastępczych w testowaniu determinizmu nieliniowych procesów dynamicznych* (Marek Nowiński) przedstawia pewien zestaw testów oraz analizuje ich użyteczność w typowych statystykach dyskryminacyjnych do wyróżniania poszukiwanych przez nas deterministycznych procesów nieliniowych. Statystyki testowe przydatne w metodzie danych zastępczych powinny umożliwić sprawdzenie, czy dynamika badanego procesu jest zgodna z procesem filtrowanego liniowo szumu, czy też może być

generowana przez pewien nieliniowy układ deterministyczny (ewentualnie z udziałem niewielkich zakłóceń losowych).

Modele Bankera są pierwszymi chronologicznie formalnymi modelami statystycznymi w ramach których DEA można uznać za metodę estymacji miary efektywności technicznej w punkcie o określonych własnościach. W pracy *Zastosowanie wieloproduktowego modelu Bankera w analizie efektywności technicznej* (Artur Prędko) przedstawiono wersję wieloproduktową modelu, bardziej użyteczną w praktycznych zastosowaniach DEA. Dzięki konstrukcji modelu możliwe staje się wnioskowanie statystyczne. Na podstawie danych dotyczących powiatowych, miejskich i gminnych bibliotek publicznych w Polsce przedstawiono wybrane przykłady wspomnianego wnioskowania: testowanie wypukłości zbioru możliwości produkcyjnych, testowanie stałego efektu skali oraz testowanie komplementarności nakładów.

W pracy *Zastosowanie zbiorów rozmytych oraz podwójnie rozmytych w procesie podejmowania decyzji negocjacyjnych* (Ewa Roszkowska) pokazano możliwości wykorzystania funkcji przynależności oraz przedziałowej funkcji przynależności do budowy systemu ocen pakietów negocjacyjnych. Przyjmuje się, że ocena pakietu zachodzi dwubiegunowo ze względu na zalety (*plusy*) oraz wady (*minusy*) z wykorzystaniem przedziałowej funkcji przynależności (lub równoważnie zbiorów podwójnie rozmytych). Następnie, za pomocą przedziałowej rozmytej procedury SAW lub TOPSIS dokonuje się agregacji ocen cząstkowych pakietów określonych przez *stopnie zadowolenia/niezadowolenia/niepewności* z poziomów realizacji zagadnień negocjacyjnych oraz ich uporządkowania od najlepszego do najgorszego. Proponowane podejście umożliwia wykorzystanie języka naturalnego, uwzględnienie subiektywizmu, braku precyzji czy niepewności w ocenie ofert.

Proces konstrukcji modeli symulacyjnych składa się z szeregu etapów: modelowania, implementacji, weryfikacji, kalibracji, walidacji, eksperymentów symulacyjnych oraz meta-analizy wyników. Szereg tych etapów wymaga wielokrotnego uruchamiania modelu z różnymi zestawami parametrów – przeszukiwania przeszukiwania wielowymiarowej przestrzeni parametrów. Analiza wrażliwości modelu na zmiany jego parametrów obejmuje testowanie implementacji (weryfikację), kalibrację, badanie podobieństwa modelu do badanego systemu (walidację) oraz eksperymenty symulacyjne. Analiza wrażliwości powinna objąć nie tylko wpływ wartości liczbowych ale również strukturę samego modelu. Dla obiektowych modeli symulacyjnych oznacza to badanie wrażliwości modelu na zmiany jego niektórych elementów (np. w przypadku modeli wieloagentowych – reguł agentów). Niestety, istniejące obecnie narzędzia wspierające proces przeszukiwania parametrów symulacji takie jak MEME lub Repast Parameter Sweep wspierają proces symulacji wyłącznie w zakresie parametrów, a nie obiektów. W pracy *O zarządzaniu przestrzeniami parametrów w obiektowych modelach symulacyjnych* (Przemysław Szufel) przedstawiono narzędzie pozwalające na

dynamiczne generowanie scenariuszy modeli symulacyjnych w ujęciu obiektowym. Narzędzie zostało skonstruowane jako rozszerzenie funkcjonalności biblioteki Spring Framework – konfiguracja modeli odbywa się w oparciu o język XML natomiast definiowanie przestrzeni parametrów w oparciu o skrypty zainicjowane w XMLu.

Pojęcie opcji kojarzy się z rynkami finansowymi, na których istnieją zstandaryzowane instrumenty znane jako opcje kupna i opcje sprzedaży. Są to jednak szczególne przypadki sytuacji, w których można wykorzystać pewne pojawiające się możliwości. Opcje realne, bo o nich mowa, będące szerszym pojęciem, mogą opisywać bardziej złożone sytuacje niż te występujące w opcjach finansowych, także takie w których występują ciągi decyzji. Do ich opisu wykorzystywane są wtedy drzewa decyzyjne. Drzewa decyzyjne wykorzystywane są w badaniach operacyjnych do opisu podejmowania decyzji w warunkach ryzyka. Wieloetapowe drzewa decyzyjne wykorzystywane są także do opisu ciągów decyzji. Przedstawiona praca *Drzewa decyzyjne w wycenie opcji realnych* (Krzysztof Targiel) analizuje drzewa decyzyjne wykorzystywane w wycenie opcji realnych oraz dokonuje porównania z klasycznymi drzewami stosowanymi w Badaniach Operacyjnych. Podkreślane są podobieństwa, ale także zauważane różnice zwłaszcza w sposobie wartościowania decyzji.

W pracy *Wpływ dyskredytacji zmiennej decyzyjnej na osiągnięte równowagi w modelu konkurencji oligopolistycznej* (Mateusz Zawisza, Bogumił Kamiński) badany jest wpływ intensywności dyskretyzacji zmiennej decyzyjnej na charakterystyki stanów równowagowych na przykładzie modelu duopolistycznej konkurencji cenowej z kosztem zmiany dostawcy i ograniczonej percepcji cenowej klientów. Identyfikowane są trzy podprzestrzenie parametrów, dla których: (1) istnieje dokładnie jedna równowaga symetryczna, (2) istnieją dwie równowagi symetryczne, a osiągnięcie konkretnej z nich zależy od punktu startowego w dynamice Best Response, (3) nie ma równowag Nasha, a firmy wykazują zachowania cykliczne, których charakterystyki opisowe są przedstawione. Ponadto, wykazano, że mniejsza intensyfikacja dyskretyzacji zmiennej decyzyjnej dla badanego modelu skutkuje: (1) większą liczbą zidentyfikowanych stanów równowagowych, (2) mniejszą liczbą zachowań cyklicznych firm, (3) niższymi cenami dla pewnej przestrzeni parametrów. Bazując na powyższych wnioskach, zaoferowano rekomendacje w zakresie projektowania systemów symulacyjnych i systemów gospodarczych.

WPLYW ELEMENTÓW ALGORYTMU GENETYCZNEGO NA PROCES POSZUKIWANIA ROZWIĄZANIA OPTIMALNEGO

1. Wstęp

Algorytmy genetyczne stanowią pewnego rodzaju uniwersalne narzędzie wspomagające proces podejmowania decyzji, w szczególności poszukiwania rozwiązania optymalnego. Stanowią one metaheurystykę, czyli zbiór reguł budowy konkretnych algorytmów heurystycznych. Ich elastyczność pozwala na szerokie zastosowania zarówno w optymalizacji funkcji rzeczywistych, jak również problemów kombinatorycznych.

Właściwy dobór poszczególnych elementów algorytmu, ich konstrukcja, czy wreszcie odpowiednia parametryzacja mogą mieć znaczący wpływ na jakość uzyskiwanych wyników.

W artykule zaprezentowana zostanie próba analizy wpływu wybranych metod selekcji, krzyżowania i mutacji na wyniki uzyskiwane przez algorytm genetyczny na przykładzie problemu optymalizacji kombinatorycznej, jakim jest zagadnienie układania tras pojazdów.

2. Algorytmy genetyczne

Pod pojęciem algorytmów genetycznych rozumie się takie algorytmy, które dokonują przeszukiwania przestrzeni rozwiązań działając w oparciu o występujące w naturze mechanizmy doboru naturalnego oraz dziedziczności¹.

Działanie algorytmów genetycznych polega na symulacji procesów istotnych dla ewolucji. W przyrodzie jednostki pewnej grupy żywych osobników rywalizują ze sobą o ogólnie dostępne im zasoby. Rywalizują również także o względy partnerów. Jednostki, które osiągną najlepsze rezultaty w obu przypadkach, mają najwięcej szans nie tylko na to, aby przetrwać, ale również spodziewać się mogą największej liczby potomków. Oznacza to, że cechy najlep-

¹ Michalewicz (1999), Goldberg (2003).

szych jednostek będą się rozprzestrzeniały o wiele szybciej, niż w przypadku słabszych jednostek. Brak umiejętności przystosowania oznacza brak potomstwa, a tym samym brak możliwości przekazania swoich cech.

W zagadnieniu optymalizacyjnym odpowiednikami osobników, które przetwarzają algorytm genetyczny, są elementy przestrzeni rozwiązań.

Podstawowymi terminami stosowanymi w teorii algorytmów genetycznych są: chromosom, gen, populacja, funkcja przystosowania, pokolenie.

Chromosom jest to zakodowana postać rozwiązania zadania. Jest to ciąg kodowy, w postaci którego przedstawiony jest każdy element zbioru potencjalnych rozwiązań postawionego problemu.

Pod pojęciem *genu* rozumiemy każdy niepodzielny element chromosomu. W zależności od tego, jaki przyjęto sposób kodowania rozwiązań problemu, każdy gen chromosomu może występować w pewnej liczbie odmian, zwanych allelami. Natomiast pozycja, jaką zajmuje gen w chromosomie określona jest terminem locus.

Populacja jest to zbiór chromosomów o określonej liczebności. Reprezentuje ona zbiór potencjalnych rozwiązań zadania. Populacja jest elementem wyróżniającym algorytmy genetyczne od innych metod optymalizacji. Algorytmy genetyczne swoje działanie opierają nie na jednym chromosomie, lecz na pewnym ich zbiorze.

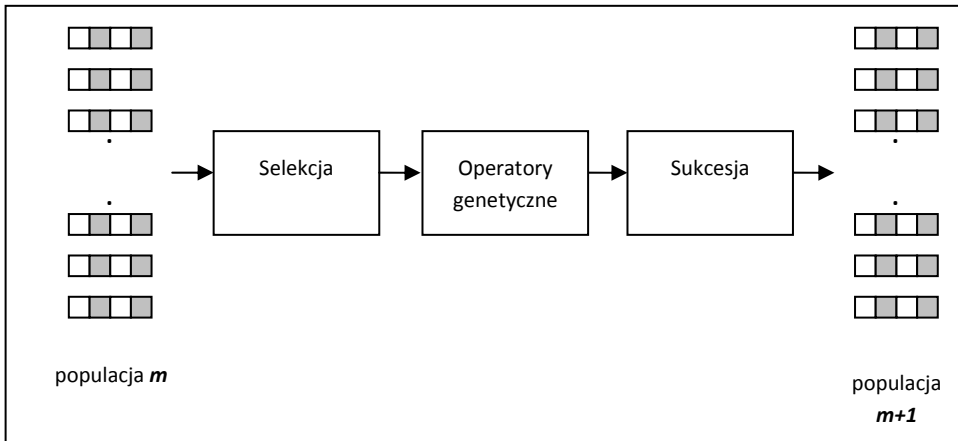
Funkcja przystosowania jest to funkcja, która pozwala na ocenę chromosomów w populacji. Czasami używane jest tutaj zamiennie pojęcie funkcji dopasowania lub funkcji oceny. Dzięki niej konsekwentnie wskazywać można te osobniki, które reprezentują nowe coraz lepsze punkty przestrzeni rozwiązań. Funkcja przystosowania swą nazwę również czerpiąc bezpośrednio z nauk przyrodniczych i odpowiada za realizację podstawowej zasady ewolucji: „przetrwają tylko najsilniejsi”. W zależności od rozpatrywanego problemu, funkcja przystosowania może przyjmować różne postaci. W zagadnieniach optymalizacyjnych funkcją oceny jest bardzo często bezpośrednio optymalizowana funkcja celu.

Algorytm ewolucyjny jest schematem iteracyjnym, w którym wykonanie wszystkich kroków wchodzących w jego skład nosi nazwę pokolenia.

Głównymi etapami każdej iteracji algorytmu (pokolenia) są: selekcja, reprodukcja oraz sukcesja, które powodują przekształcenie bieżącej populacji w populację nowego pokolenia (rys. 1).

Selekcja jest procesem, w którym indywidualne ciągi kodowe, czyli chromosomy, zostają powielone w stosunku zależnym od wartości odpowiadających im funkcji przystosowania. Celem tego powielenia jest dokonanie na wybranych w ten sposób osobnikach procesu reprodukcji.

Operatory genetyczne stanowią etap, w którym dokonywane są losowe modyfikacje chromosomów, tworząc populację potomną.



Rys. 1. Przekształcenie populacji bieżącej w populację nowego pokolenia

Źródło: Opracowanie własne.

Ostatni etap to sukcesja, w której na podstawie populacji bieżącej oraz populacji potomnej, tworzona jest populacja nowego pokolenia.

Przedstawione trzy czynności tworzenia populacji nowego pokolenia nie zawsze występują jednocześnie. Czasami brak jest wyraźnego wyodrębnienia etapu sukcesji, przyjmując jako populację nowego pokolenia – populację potomną utworzoną w wyniku zastosowania operatorów genetycznych.

Jednym z najważniejszych modułów każdego algorytmu genetycznego jest selekcja. Spośród chromosomów, które są oceniane w bieżącym pokoleniu, należy wybrać te, między którymi dojdzie do wymiany informacji przez nie reprezentowanych. Wyselekcjonowane z populacji chromosomy utworzą populację tymczasową (rodzicielską), która w algorytmie genetycznym często jest równie liczna jak populacja oceniana. Oznacza to, że niektóre chromosomy (przede wszystkim chromosomy o najwyższych wartościach funkcji przystosowania) mogą w populacji rodzicielskiej wystąpić więcej niż jeden raz.

Dotychczas zaproponowanych zostało wiele metod selekcji². Mają one bardzo często charakter uniwersalny, co oznacza, że mogą w swojej niezmienionej postaci być wykorzystywane dla różnych problemów optymalizacyjnych. Wśród najbardziej popularnych znaleźć można selekcję metodą ruletki czy selekcję turniejową.

Pierwsza z powyższych metod oparta jest na zasadach działania koła ruletki w kasynie. Każdy z chromosomów populacji posiada przyporządkowaną pewną część koła odpowiednio do jego wartości przystosowania (im lepsza wartość przystosowania chromosomu spośród ocenianych w populacji, tym większa

² Arabas (2001).

część przydzielonego koła ruletki). Część koła ruletki odzwierciedla prawdopodobieństwo wylosowania osobnika do populacji rodzicielskiej. Losowanie osobnika do populacji rodzicielskiej (poddawanej przekształceniom przez operatory genetyczne) jest w pełni zrandomizowane i odbywa się poprzez „zakręcenie” kołem ruletki. Według tej metody szanse na wylosowanie osobnika do populacji rodzicielskiej są wprost proporcjonalne do jego wartości funkcji przystosowania.

Sam proces selekcji może być w pewnych przypadkach dokonany również częściowo deterministycznie. Przykładem takiej metody selekcji jest metoda turniejowa. Na początku każdej pętli (turnieju) tej procedury wybierany jest losowo pewien podzbiór chromosomów. Następnie spośród nich w sposób deterministyczny wskazywany jest osobnik o najlepszej wartości funkcji przystosowania, który zostanie umieszczony w populacji rodzicielskiej. Ilość turniejów, jakie należy przeprowadzić zazwyczaj jest równa liczebności bieżącej populacji. Liczebność tego losowanego podzbioru chromosomów jest parametrem tej metody selekcji, który przyjmować może wartości naturalne, lecz nie większe niż rozmiar populacji. W literaturze poświęconej algorytmom genetycznym, wartość tą przyjmuje się zazwyczaj na poziomie 2, 3, 4, lub 5.

Procedurę selekcji uważać należy za esencję całego procesu ewolucyjnego, ponieważ to w tym etapie dokonuje się ukierunkowanie przeszukiwania przestrzeni rozwiązań rozpatrywanego problemu przez algorytm genetyczny. Stąd też bardzo istotnym pojęciem związanym z selekcją jest napór selekcyjny. Mianem tym określa się tendencję algorytmu do poprawiania wartości średniego przystosowania kolejnych populacji. Zwiększenie naporu selekcyjnego oznacza dążenie do uzyskania w populacji rodzicielskiej coraz większej liczby tych samych najlepszych osobników. Jednocześnie zwiększanie naporu selekcyjnego doprowadzać może do tego, że w populacji rodzicielskiej chromosomy, których wartość przystosowania równa jest średniemu przystosowaniu całej populacji w ogóle się nie pojawiają.

3. Algorytmy genetyczne dla optymalizacji zagadnień kombinatorycznych

W zależności od optymalizowanego problemu decyzyjnego, poszczególne elementy składowe algorytmu genetycznego przyjmować mogą różne postaci. Dotyczy to przede wszystkim sposobu kodowania, jak również operatorów genetycznych.

Najbardziej znanym sposobem kodowania rozwiązań problemów optymalizacyjnych jest kodowanie binarne, w którym chromosom reprezentowany jest poprzez wektor zer i jedynek³. Taki sposób kodowania jest właściwy np. dla zadań poszukiwania ekstremum funkcji rzeczywistych. Dla zagadnień z dziedzic-

³ Cytowski (1996).

ny kombinatoryki, np. dla problemu komiwojażera lub wielu komiwojażerów najczęściej stosowaną metodą kodowania jest kodowanie permutacyjne lub oparte na alfabecie liczb naturalnych.

W kodowaniu permutacyjnym, geny mają charakter homogeniczny, czyli informacje, jakie zawierają są do siebie podobne. Prowadzi to do wniosku, że ich wartości są niezmiennie w przeciwieństwie do pozycji jakie zajmują. Geny mogą występować w różnych układach, czyli mamy do czynienia z ich permutacjami. Przykładem takiego sposobu kodowania, jednocześnie opartego o alfabet liczb naturalnych dla problemów układania tras pojazdów jest kodowanie ścieżkowe:

Chromosom1 = [0 1 2 3 4 5 6 7 8 9] trasa: 0-1-2-3-4-5-6-7-8-9

Chromosom2 = [9 2 5 6 7 4 3 8 1 0] trasa: 9-2-5-6-7-4-3-8-1-0

Bardzo ważnym elementem działania algorytmów genetycznych są operatory genetyczne. Ich rolą jest określenie sposobu dokonania przekształcenia wybranych w procesie selekcji chromosomów. W algorytmie genetycznym z tych chromosomów i poddanych działaniu operatorów genetycznych uzyskujemy populację potomną, która w kolejnej iteracji działania algorytmu genetycznego (kolejnym pokoleniu) stanowić będzie populację podstawową. Wyróżnia się dwa podstawowe operatory genetyczne:

- 1) krzyżowanie;
- 2) mutacja.

W algorytmie genetycznym, wykorzystanie każdego z obu operatorów uzależnione jest od pewnego parametru. Parametrem tym jest prawdopodobieństwo zajścia krzyżowania lub mutacji. Parametry te mają bardzo duże znaczenie dla działania każdego algorytmu genetycznego. Ich wartość wpływa bezpośrednio na jakość uzyskiwanych wyników. Określają one częstotliwość zmian w chromosomach stanowiących populację rozwiązań optymalizowanego problemu decyzyjnego.

Metoda przeprowadzenia operacji krzyżowania oraz mutacji uzależniona jest od przyjętego sposobu kodowania chromosomów. Dla przedstawionego powyżej kodowania ścieżkowego wyróżnić w szczególności można dwie metody krzyżowania: krzyżowanie porządkowe (OX) oraz krzyżowanie cykliczne (CX)⁴. Są to metody zachowujące w maksymalnym stopniu kolejność następujących po sobie punktów odwiedzanych przez pojazdy.

Pierwszy z wymienionych operatorów, krzyżowanie porządkowe powoduje utworzenie nowego chromosomu, który dziedziczy wybrany losowo podciąg genów od jednego z rodziców, a jednocześnie zachowuje uporządkowanie elementów chromosomu drugiego z rodziców.

Przyjmijmy, że rodzicami są przedstawione wcześniej chromosomy: *Rodziec 1* i *Rodziec 2*, u których do dziedziczenia wybrano losowo podciągi składające się z czterech genów:

⁴ Michalewicz (1999).

Rodzic 1 = [1, 6, 3, 8, | **10, 5, 2, 11**, | 9, 7, 12, 4]

Rodzic 2 = [10, 9, 4, 3, | **2, 1, 11, 5**, | 7, 6, 8, 12]

Nowe chromosomy na tych samych pozycjach zawierać będą wskazane podciągi, gdzie odpowiednio *Potomek 1* odziedziczy ciąg czterech genów od *Rodzica 1*, a *Potomek 2* od *Rodzica 2*:

Potomek 1 = [x, x, x, x, | **10, 5, 2, 11**, | x, x, x, x]

Potomek 2 = [x, x, x, x, | **2, 1, 11, 5**, | x, x, x, x]

Pozostałe geny są kopiowane z zachowaniem występującego porządku odpowiednio od *Rodzica 1* do *Potomka 2* oraz od *Rodzica 2* do *Potomka 1*. Kopowanie genów odbywa się począwszy od pierwszej pozycji za wybranym podciągiem tak u rodzica, jak i u potomka. Pomijając elementy już przyporządkowane, ciąg genów *Rodzica 2*, które należy umieścić w *Potomku 1*, począwszy od pozycji dziewiątej jest następujący: 7, 6, 8, 12, 9, 4, 3, 1. Z kolei dla *Potomka 2* ciągiem genów wziętych od *Rodzica 1* jest: 9, 7, 12, 4, 6, 3, 8, 10. W związku z tym, powstałe chromosomy są następujące:

Potomek 1 = [9, 4, 3, 1, | **10, 5, 2, 11**, | 7, 6, 8, 12]

Potomek 2 = [6, 3, 8, 10, | **2, 1, 11, 5**, | 9, 7, 12, 4]

W przeciwieństwie do operatora krzyżowania OX, który kładzie nacisk na uporządkowanie genów, w krzyżowaniu cyklicznym CX powstaje potomek, w którym każdy gen wraz z jego pozycją pochodzi od jednego z rodziców.

Rodzic 1 = [1, 6, 3, 8, | **10, 5, 2, 11**, | 9, 7, 12, 4]

Rodzic 2 = [10, 9, 4, 3, | **2, 1, 11, 5**, | 7, 6, 8, 12]

Budowę chromosomu pierwszego potomka rozpoczniemy od losowo wybranego genu *Rodzica 1*. Załóżmy, iż wybranym elementem tego ciągu kodowego jest 1. Wybrany gen zostanie umieszczony w nowym chromosomie na tej samej pozycji:

Potomek 1 = [1, x, x, x, x, x, x, x, x, x, x, x]

W etapie pierwszym, na tej samej pozycji w *Rodzicu 2* co element 1 u *Rodzica 1* jest gen 10. Ponieważ u *Rodzica 1* gen ten zajmuje pozycję piątą, w związku z tym, także na tej pozycji umieszczony zostaje w *Potomku 1*:

Potomek 1 = [1, x, x, x, 10, x, x, x, x, x, x, x]

Teraz element 10 pełni rolę początkowego genu 1 w etapie drugim. Na piątej pozycji w *Rodzicu 2* jest 2, który zajmując pozycję siódmą w *Rodzicu 1*, na niej też zostanie umieszczony w tworzonym potomku.

$$\text{Potomek 1} = [1, x, x, x, 10, x, 2, x, x, x, x, x]$$

Postępując konsekwentnie w ten sam sposób w etapach trzecim i czwartym, umieścimy w *Potomku 1* jeszcze dwa geny: 11 i 5 odpowiednio na pozycjach: ósmej i szóstej.

$$\text{Potomek 1} = [1, x, x, x, 10, x, 2, 11, x, x, x, x]$$

$$\text{Potomek 1} = [1, x, x, x, 10, 5, 2, 11, x, x, x, x]$$

Zajmowana pozycja szósta w *Rodzicu 1*, ostatniego umieszczonego genu 5, wskazuje u *Rodzica 2* na gen 1, który w budowanym potomku już istnieje. Oznacza to, że powstała w tym miejscu pewna zamknięta pętla (cykl), nie pozwalająca na wstawienie w ten sam sposób nowych genów do nowego potomnego chromosomu. W takiej sytuacji na wolne pozycje do *Potomka 1* powstałego w czwartym etapie należy wstawić geny odpowiednio z tych samych pozycji, a pochodzące od *Rodzica 2*. Postępując w ten sposób układ genów w *Potomku 1* jest następujący:

$$\text{Potomek 1} = [1, 9, 4, 3, 10, 5, 2, 11, 7, 6, 8, 12]$$

Schemat budowy *Potomka 2* jest identyczny, jak w przypadku tworzenia *Potomka 1* z tą różnicą, że role rodziców są odwrócone. Wstawianie genów do drugiego nowego chromosomu rozpoczynamy tym razem od elementu 10. Poniżej przedstawiony jest drugi z potomków powstałych w wyniku przeprowadzenia procedury opartej na krzyżowaniu cyklicznym:

$$\text{Potomek 2} = [10, 6, 3, 8, 2, 1, 11, 5, 9, 7, 12, 4]$$

Znacznie prostszymi w swoim działaniu są metody mutacji. Z założenia mutacja powinna być takim operatorem genetycznym, który nie wprowadza dużej zmiany w strukturze chromosomu. Dla kodowania binarnego mutacja polega na zamianie genu z 0 na 1 lub odwrotnie. W kodowaniu permutacyjnym takie postępowanie jest niemożliwe. Spowodowałoby to „utrata genu” lub wystąpienie wielokrotne danego genu. Dlatego też dla kodowania permutacyjnego przewidziane mogą być następujące metody kodowania: przemieszczenie genów lub wymiana genów.

Pierwszy sposób przedstawia mutację, w której wybierany jest losowo jeden element chromosomu, a następnie wstawiony zostaje na losowo wybraną pozycję:

$$[10, 6, 3, 8, 2, 1, 11, 5, 9, 7, 12, 4] \rightarrow [10, 6, 3, 9, 8, 2, 1, 11, 5, 7, 12, 4]$$

Druga z wymienionych metod mutacji polega na wylosowaniu dwóch pozycji, a następnie zamianie miejscami zajmujących je genów:

[10, 6, **3**, 8, 2, 1, 11, 5, **9**, 7, 12, 4] → [10, 6, **9**, 8, 2, 1, 11, 5, **3**, 7, 12, 4]

4. Wpływ działania poszczególnych modułów algorytmu genetycznego na jakość uzyskiwanych wyników na przykładzie zagadnienia VRP

Przebieg procesu poszukiwania rozwiązania optymalnego problemu optymalizacji kombinatorycznej pokazany zostanie na przykładzie zagadnienia układania tras pojazdów (Vehicle Routing Problem – VRP). Problem VRP sformułować można w następujący sposób⁵. Dostawca ma za zadanie rozwiązać produkt do pewnej liczby odbiorców dysponując odpowiednią liczbą pojazdów o określonej ładowności. Każdy z odbiorców musi otrzymać żadaną ilość tego produktu, a jednocześnie ładowność każdego pojazdu nie może zostać przekroczona. Należy zbudować zbiór tras pojazdów w taki sposób, aby każdy z dostawców zaopatrywany był tylko przez jeden pojazd, a jednocześnie łączna długość wszystkich tras była jak najmniejsza.

Szczególnym przypadkiem zadania układania tras pojazdów jest dobrze znany w literaturze problem VRP z jednym pojazdem – problem komiwojażera. Jednakże sformułowany powyżej problem wielu komiwojażerów przedstawia dwa zagadnienia optymalizacyjne⁶:

- przydział poszczególnych odbiorców do pojazdów
- kolejność odwiedzania odbiorców przyporządkowanych do danego pojazdu.

Niewątpliwie czyni to zagadnienie układania tras pojazdów (VRP) problemem o charakterze kombinatorycznym, znacznie trudniejszym do rozwiązania niż problem jednego komiwojażera.

Na potrzeby oceny działania poszczególnych modułów algorytmu genetycznego sformułowano zadanie VRP, w którym dostawca dysponując pojazdami o ładowności 160 jednostek ma dostarczyć produkt do 50 odbiorców. Dane dotyczące popytu, współrzędne lokalizacji oraz rozmieszczenie przestrzenne przedstawione zostały w tabeli (tab. nr 1) oraz na rysunku (rys. nr 2).

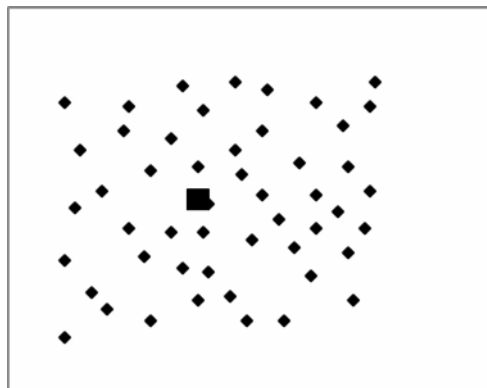
⁵ Szymanowski et al. (1982), Całczyński et al. (2000).

⁶ Całczyński (1992).

Tabela 1. Dane dotyczące poszczególnych odbiorców

Odbiorca	B	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
Wsp. x	30	37	39	52	20	40	21	17	31	52	51	42	31	5	12	36	52
Wsp. y	40	52	49	64	26	30	47	63	62	33	21	41	32	25	42	16	41
Popyt	---	7	30	16	9	21	15	19	23	11	5	19	29	23	21	10	15
Odbiorca	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33
Wsp. x	27	17	13	57	62	42	16	8	7	27	30	43	58	58	37	38	46
Wsp. y	23	33	13	58	42	57	57	52	38	68	48	67	48	27	69	46	10
Popyt	3	41	9	28	8	8	16	10	28	7	15	14	6	19	11	12	23
Odbiorca	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50
Wsp. x	61	62	63	32	45	59	5	10	21	5	30	39	32	25	25	48	56
Wsp. y	33	63	69	22	35	15	6	17	10	64	15	10	39	32	55	28	37
Popyt	26	17	6	9	15	14	7	27	13	11	16	10	5	25	17	18	10

Źródło: opracowanie własne.



Rys. 2 Rozmieszczenie odbiorców

Źródło: opracowanie własne.

Dla tak sformułowanego zadania VRP zbudowano algorytm genetyczny, dla którego ustawiono następujące wartości parametrów⁷:

- rozmiar populacji ocenianej: 200 chromosomów;
- liczba wygenerowanych pokoleń (wykonanych iteracji): 1000;
- selekcja: ruletkowa lub turniejowa;
- krzyżowanie: CX lub OX;
- mutacja: zmiana pozycji genu (M1) lub zamiana genów miejscami (M2);

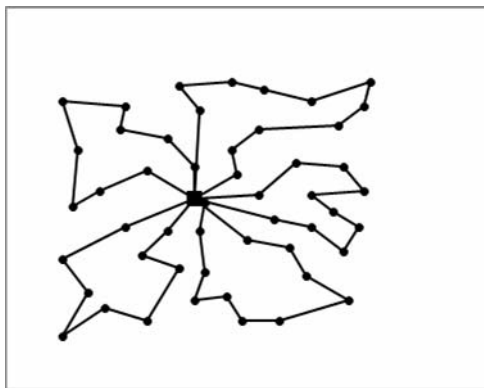
⁷ Jadczak (2005).

- prawdopodobieństwa krzyżowania: 0,00 lub 0,25; lub 0,50 lub 0,75 lub 1,00;
- prawdopodobieństwa mutacji: 0,00 lub 0,25; lub 0,50 lub 0,75 lub 1,00.

Algorytm dla wszystkich możliwych kombinacji powyższych parametrów uruchomiony został dziesięciokrotnie. W wyniku przeprowadzonych doświadczeń najlepszy wynik (łączna długość wszystkich tras: 525,70) uzyskany został dla następującej kombinacji parametrów:

- rozmiar populacji ocenianej: 200 chromosomów;
- liczba wygenerowanych pokoleń (wykonanych iteracji): 1000;
- selekcja: turniejowa;
- krzyżowanie: CX;
- mutacja: zamiana genów miejscami (M2);
- prawdopodobieństwa krzyżowania: 0,25;
- prawdopodobieństwa mutacji: 0,25.

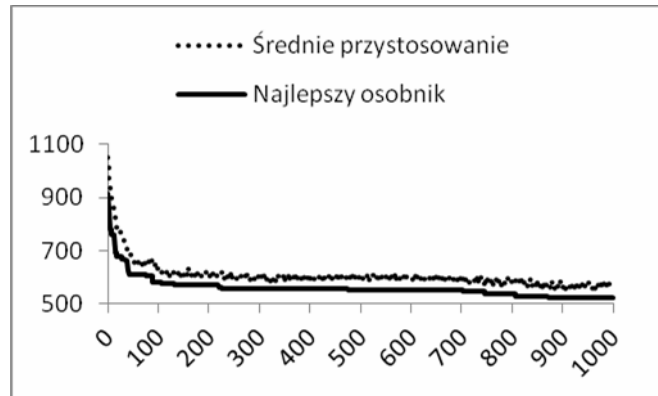
Poniżej przedstawiono postać graficzną uzyskanego rozwiązania (rys. 3) oraz przebieg działania algorytmu (rys. 4), na którym zaznaczono zarówno wartość przystosowania najlepszego chromosomu, jak również średnie przystosowanie chromosomów w populacji danego pokolenia.



Rys. 3. Graficzna prezentacja najlepszego rozwiązania

Źródło: opracowanie własne.

Wyniki dla wszystkich kombinacji parametrów algorytmu genetycznego pokazane zostały w poniższych tabelach (tab. 2–9). Dla każdego zestawu parametrów pokazano najlepsze i najgorsze uzyskane rozwiązanie oraz wartość średnią z dziesięciu uruchomień algorytmu. W główkach tabel określone jest prawdopodobieństwo krzyżowania, natomiast w bocznych prawdopodobieństwo mutacji.



Rys. 4. Przebieg działania algorytmu

Źródło: opracowanie własne.

Tabela 2. Wyniki AG: ruletkowa, OX, M1

	0,00	0,25	0,50	0,75	1,00
0,00	878,94	613,43	564,52	571,71	610,09
	914,59	652,94	579,58	600,55	633,57
	941,05	698,02	607,66	611,48	651,97
0,25	574,23	547,86	583,52	601,23	619,20
	599,78	588,83	593,68	627,18	646,31
	627,65	627,74	602,53	638,47	660,83
0,50	568,54	585,85	602,04	611,51	630,17
	579,96	603,35	619,72	635,63	650,57
	598,99	616,73	634,25	650,42	667,67
0,75	572,23	609,03	607,43	637,99	645,52
	597,33	623,95	637,10	652,46	659,83
	615,26	641,45	652,89	678,24	670,01
1,00	607,20	614,70	617,40	645,98	645,64
	618,81	632,81	640,67	659,71	668,05
	631,43	655,96	669,39	678,11	695,20

Źródło: opracowanie własne.

Tabela 3. Wyniki AG: ruletkowa, CX, M1

	0,00	0,25	0,50	0,75	1,00
0,00	878,94	726,73	723,87	677,16	584,63
	914,59	801,49	763,87	744,04	680,60
	941,05	859,37	808,32	783,25	724,20
0,25	575,18	573,07	564,24	561,36	567,92
	613,59	613,48	597,46	595,15	587,20
	685,37	675,00	662,99	671,72	613,54
0,50	553,47	549,76	561,97	558,44	563,08
	580,07	582,41	571,47	570,93	575,56
	608,47	606,09	592,83	586,24	591,07
0,75	567,79	577,76	595,75	588,66	588,60
	599,84	605,34	603,67	603,28	606,15
	624,87	635,05	625,56	617,37	624,60
1,00	602,66	608,70	595,23	615,07	613,12
	617,38	620,64	625,98	628,61	631,91
	626,38	639,54	648,33	642,12	646,90

Źródło: opracowanie własne.

Tabela 4. Wyniki AG: ruletkowa, OX, M3

	0,00	0,25	0,50	0,75	1,00
0,00	878,94	600,32	560,18	593,76	615,34
	914,59	658,81	585,42	608,96	629,82
	941,05	710,87	608,07	626,30	641,33
0,25	548,00	562,72	597,83	623,89	612,39
	564,10	588,92	614,37	636,10	641,20
	582,79	605,48	628,22	653,78	661,42
0,50	573,77	601,42	609,70	624,31	639,33
	586,48	616,60	630,52	646,66	655,78
	608,47	626,37	650,63	664,40	666,97
0,75	586,41	588,90	623,35	626,40	648,43
	605,17	618,35	637,64	644,38	673,82
	619,53	634,29	650,00	661,64	694,85
1,00	599,42	612,39	624,39	621,58	644,20
	614,62	628,92	638,11	651,68	674,53
	632,66	642,79	654,34	671,26	695,56

Źródło: opracowanie własne.

Tabela 5. Wyniki AG: ruletkowa, CX, M3

	0,00	0,25	0,50	0,75	1,00
0,00	878,94	757,31	691,69	637,01	650,58
	914,59	805,96	757,73	737,55	709,64
	941,05	846,09	797,04	791,07	774,48
0,25	547,90	563,08	556,53	564,16	575,98
	567,27	579,90	583,36	585,61	590,91
	585,84	599,37	602,76	619,93	614,90
0,50	577,61	586,99	613,72	672,96	676,20
	593,04	614,12	641,47	690,70	706,03
	604,25	631,23	664,20	704,52	736,87
0,75	594,00	612,79	640,25	670,13	691,13
	610,89	629,61	658,79	681,78	720,32
	623,96	642,55	667,30	688,53	740,84
1,00	601,05	612,86	637,20	667,89	677,61
	618,14	633,37	655,80	680,73	704,26
	630,37	652,85	671,79	689,94	720,25

Źródło: opracowanie własne.

Tabela 6. Wyniki AG: turniejowa, OX, M1

	0,00	0,25	0,50	0,75	1,00
0,00	878,94	634,04	595,18	568,56	582,54
	914,59	674,91	623,53	575,58	593,74
	941,05	738,97	650,34	584,34	602,15
0,25	584,83	532,96	549,65	572,99	592,05
	620,38	583,02	568,84	584,02	605,29
	681,15	637,94	613,01	597,49	612,53
0,50	564,38	539,12	572,18	590,44	597,60
	590,42	566,91	584,44	604,62	623,31
	643,74	595,46	597,93	612,37	642,60
0,75	565,08	588,17	579,60	603,91	627,82
	578,46	595,95	604,36	623,45	637,02
	596,67	609,20	620,67	639,80	649,66
1,00	589,66	611,76	593,04	595,50	624,97
	601,09	617,81	615,64	637,02	652,23
	612,39	632,11	634,14	654,86	674,93

Źródło: opracowanie własne.

Tabela 7. Wyniki AG: turniejowa, CX, M1

	0,00	0,25	0,50	0,75	1,00
0,00	878,94	741,36	723,06	713,74	672,74
	914,59	826,56	767,18	750,69	738,99
	941,05	860,08	805,50	806,81	801,75
0,25	565,36	559,71	563,26	565,58	544,83
	619,71	603,33	614,52	614,21	603,51
	664,09	639,11	671,14	663,70	659,53
0,50	553,67	548,78	549,70	551,62	551,98
	576,45	585,40	574,54	579,51	577,09
	594,07	621,87	599,05	609,78	603,06
0,75	563,36	563,97	555,03	555,04	562,33
	579,11	573,35	568,95	571,17	570,75
	604,30	581,19	583,84	584,43	577,41
1,00	587,49	590,06	591,22	572,53	578,24
	596,98	598,99	601,97	599,69	596,09
	609,59	611,12	610,88	618,44	616,89

Źródło: opracowanie własne.

Tabela 8. Wyniki AG: turniejowa, OX, M3

	0,00	0,25	0,50	0,75	1,00
0,00	878,94	635,63	589,67	556,32	576,82
	914,59	676,63	642,44	573,64	590,50
	941,05	736,05	717,79	583,74	597,15
0,25	537,54	537,01	558,74	594,49	611,74
	556,81	552,57	587,20	622,30	632,75
	580,81	565,50	601,68	634,95	644,24
0,50	547,60	576,24	607,05	613,89	624,24
	562,21	591,45	619,79	637,51	652,68
	580,66	602,93	635,39	653,83	662,77
0,75	581,36	592,98	600,92	611,00	646,97
	600,00	614,70	625,29	640,87	666,10
	611,09	631,61	643,70	658,85	678,44
1,00	586,29	606,61	600,07	638,57	650,30
	614,10	622,84	636,37	649,76	663,75
	625,53	636,42	650,31	654,79	673,28

Źródło: opracowanie własne.

Tabela 9. Wyniki AG: turniejowa, CX, M3

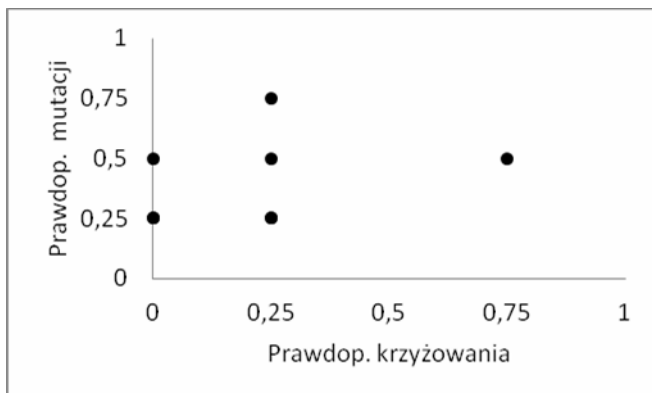
	0,00	0,25	0,50	0,75	1,00
0,00	878,94	716,46	714,44	678,91	655,71
	914,59	828,67	780,14	748,27	718,43
	941,05	885,97	829,73	790,26	750,87
0,25	538,91	525,70	535,95	536,79	535,51
	553,93	551,83	557,64	562,72	557,41
	580,15	596,41	582,74	604,16	585,41
0,50	536,30	560,17	557,86	547,79	574,22
	555,00	595,67	581,27	588,92	601,13
	567,32	581,23	607,12	666,79	618,68
0,75	589,78	602,18	628,92	632,17	679,41
	602,51	618,79	645,39	675,36	709,61
	611,20	637,94	665,07	692,47	729,31
1,00	586,96	611,60	628,37	671,88	656,01
	606,21	628,73	647,77	682,35	700,02
	627,38	642,14	661,30	695,09	721,17

Źródło: opracowanie własne.

5. Podsumowanie i wnioski

Analizując przedstawione wyniki oraz wykres przedstawiający przebieg działania algorytmu genetycznego (rys. 4) można natychmiast zauważyć, że algorytm uzyskuje pewną „stabilność” rozwiązania już około 150 pokolenia. Oznacza to, że przez kolejnych 850 iteracji dokonywana była nieznaczna poprawa dotychczas najlepszego znalezionej rozwiązania. Powyższe spostrzeżenie dotyczy również średniego przystosowania całej populacji chromosomów w danym pokoleniu.

Kolejny wniosek dotyczy parametrów odnoszących się do prawdopodobieństwa zajścia krzyżowania oraz mutacji. Wyraźnie da się zauważyć, że najlepsze wyniki algorytm uzyskiwał najczęściej przy niskich wartościach prawdopodobieństwa krzyżowania. W sześciu na osiem różnych wariantach prawdopodobieństwo to nie przekraczało 0,25. Z kolei nie można tego powiedzieć o prawdopodobieństwie mutacji, które oscylowało wokół wartości 0,25 i 0,5. Przedstawione wyniki pokazują istotną rolę operatora mutacji w działaniu algorytmu genetycznego. Stwierdzić można, że rola mutacji jest znacznie większa w algorytmach genetycznych dla problemów optymalizacji kombinatorycznej, w przeciwieństwie do optymalizacji funkcji rzeczywistych, gdzie przy kodowaniu binarnym wartość tego prawdopodobieństwa jest bardzo niska (często nie przekracza 0,005). Wynika to z faktu, że w kodowaniu binarnym mutacji podlegać może każdy gen z osobna. Natomiast w kodowaniu permutacyjnym dla problemów optymalizacji kombinatorycznej, mutacji podlega od razu cały chromosom.

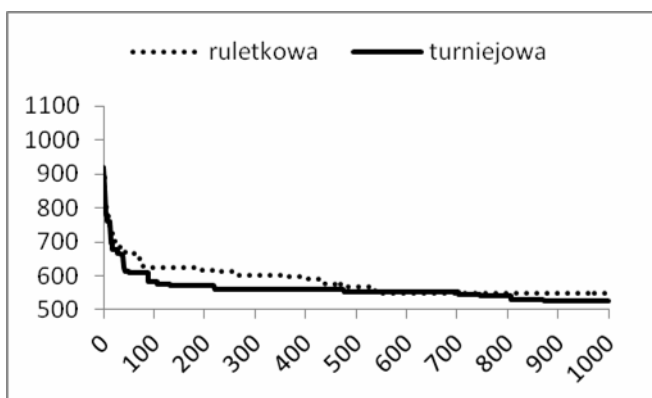


Rys. 5. Kombinacje wartości prawdopodobieństw mutacji i krzyżowania, dla których uzyskano najlepsze wyniki

Źródło: opracowanie własne.

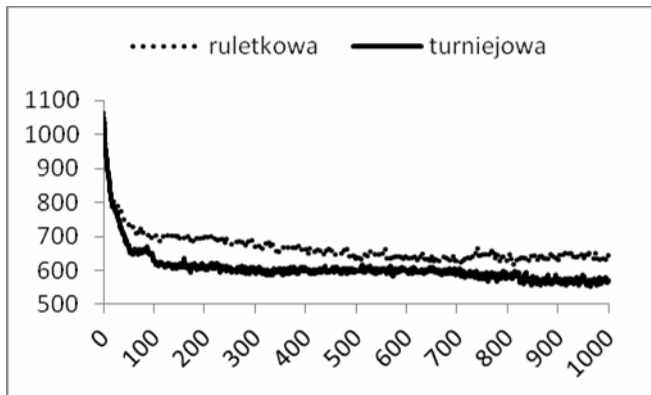
W trzech przypadkach algorytm genetyczny uzyskał najlepsze wyniki przy prawdopodobieństwie krzyżowania wynoszącym 0. Świadczy to o istotnej roli mutacji, jako operatora genetycznego dokonującego stosunkowo niewielkiej zmiany w chromosomie, w przeciwieństwie do operatora krzyżowania.

Dokonując porównania dwóch wybranych metod selekcji można stwierdzić, iż w przypadku chromosomów reprezentujących najlepsze rozwiązania różnica nie jest zbyt widoczna (rys.7). Jest ona lepiej widoczna w przypadku oceny średniego dopasowania osobników w populacji (rys. 6). Zauważyć także można wolniejszą zbieżność do najlepszego rozwiązania w przypadku selekcji ruletkowej, gdzie stabilność uzyskana została około 500 pokolenia.



Rys. 6. Najlepsze chromosomy w kolejnych pokoleniach

Źródło: opracowanie własne.

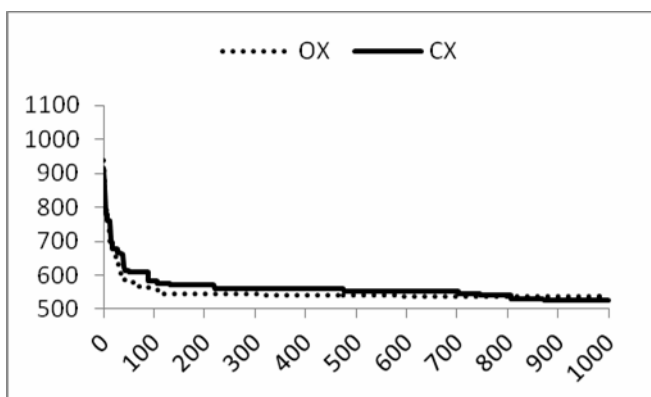


Rys. 7. Średnie dopasowanie populacji w kolejnych pokoleniach

Źródło: opracowanie własne.

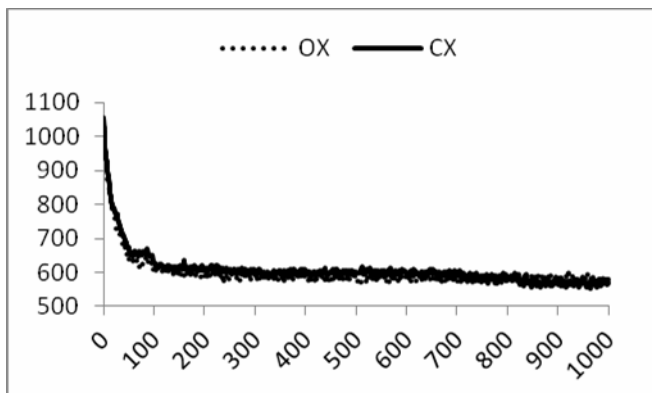
Kolejnemu porównaniu poddano metody krzyżowania: krzyżowanie cykliczne (CX) oraz krzyżowanie porządkowe (OX). Z analiz wyników zaprezentowanych na wykresach poniżej (rys. 8 i 9) wywnioskować można, iż obie metody selekcji mają podobny wpływ na jakość wyników uzyskiwanych przez algorytm genetyczny.

Wreszcie analizując przedstawione wcześniej metody selekcji: zmiana pozycji pojedynczego genu (M1) oraz zamiana pozycjami dwóch dowolnie wybranych genów (M2) zauważyć można nieznaczny lepszy wpływ pierwszej z metod porównując najlepsze uzyskane chromosomy (rys. 10). Znacznie większa różnica widoczna jest w średnim dopasowaniu całej populacji (rys. 11).

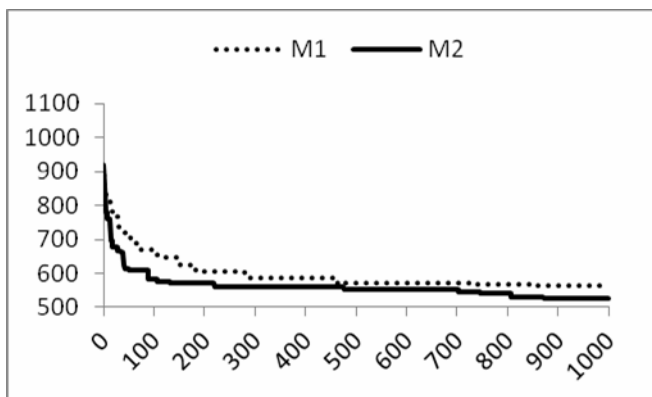


Rys. 8. Najlepsze chromosomy w kolejnych pokoleniach

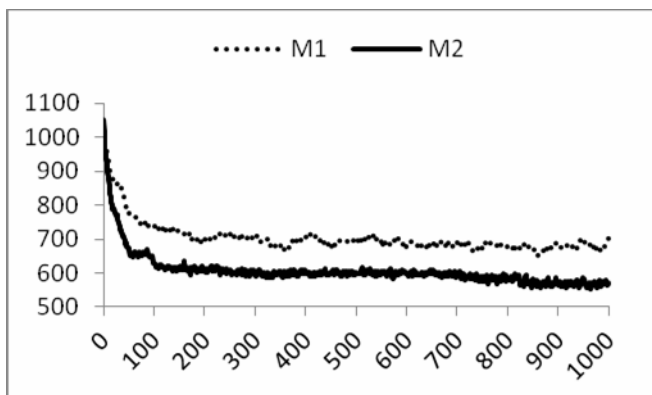
Źródło: opracowanie własne.



Rys. 9. Średnie dopasowanie populacji w kolejnych pokoleniach
Źródło: opracowanie własne.



Rys. 10. Najlepsze chromosomy w kolejnych pokoleniach
Źródło: opracowanie własne.



Rys. 11. Średnie dopasowanie populacji w kolejnych pokoleniach
Źródło: opracowanie własne.

Podsumowując można stwierdzić, że w badanym algorytmie genetycznym przeznaczonym do rozwiązania problemu optymalizacji kombinatorycznej, w którym zastosowano kodowanie permutacyjne, znaczącą rolę odgrywa operator mutacji. Nie bez znaczenia jest także sposób, w jaki proces ten jest przeprowadzany. Uzyskane wyniki potwierdziły także fakt, że metoda selekcji też nie jest bez znaczenia. Duży napór selekcyjny na chromosomy populacji prowadzić może do zbyt szybkiej zbieżności algorytmu do rozwiązania dalekiego od optymalnego. Z kolei zbyt mały napór jest też przyczyną losowego błędzenia algorytmu.

Duża liczba poszczególnych parametrów, jak również ich wartości, czyni algorytmy genetyczne narzędziem, które muszą poddawane być „strojeniu” oraz licznym testom. Oznacza to także, że podobne wyniki algorytm może uzyskać przy różnych kombinacjach zarówno poszczególnych metod krzyżowania, mutacji czy selekcji, jak również różnych kombinacjach wartości prawdopodobieństw krzyżowania i mutacji.

Bibliografia

- Arabas J. (2001), *Wykłady z algorytmów ewolucyjnych*, WNT.
- Całczyński A. (1992), *Metody optymalizacji w obsłudze transportowej rynku*, PWE, Warszawa.
- Całczyński A., Kędzierska-Stróż D., Orzechowska D., Śleszyński Z. (2000), *Elementy badań operacyjnych w zarządzaniu*. Politechnika Radomska, Radom.
- Cytowski J. (1996), *Algorytmy genetyczne. Podstawy i zastosowania*, Akademicka Oficyna Wydawnicza PLJ.
- Golderberg D.E. (2003), *Algorytmy genetyczne i ich zastosowania*, WNT.
- Jadczak R. (2005), Rozwiązywanie zagadnień układania tras pojazdów z wykorzystaniem algorytmów ewolucyjnych, *Badania Operacyjne i Decyzje*, Nr 3–4 2005, s. 7–22.
- Michalewicz Z. (1999), *Algorytmy genetyczne + struktury danych = programy ewolucyjne*, WNT.
- Szymanowski W., Cegieła W., Prokuratorowski P. (1982), *The application of discrete programming to the design of the delivery systems in large urban agglomerations*, *European Journal of Operational Research*, Vol. 10, Issue 1, pp. 100–105.

Badania operacyjne stanowią dyscyplinę nauki, która dysponuje zbiorem niezwykle użytecznych metod wspomagających proces podejmowania decyzji zarówno na niższym, jak i wyższym szczeblu zarządzania. Obszar ich implementacji jest bardzo szeroki. Finanse, produkcja lub logistyka to tylko wybrane i najbardziej rozpoznawalne przykłady.

Na niniejszą pracę zbiorową składają się opracowania prezentujące najnowsze trendy w badaniach naukowych odnoszących się do metodologii podejmowania optymalnych decyzji oraz jej zastosowań w praktyce gospodarczej. Publikacja z pewnością może być źródłem użytecznej wiedzy, przydatnej w szczególności dla decydentów, a także inspiracją do kontynuowania dotychczasowych i prowadzenia nowych badań naukowych.



WYDAWNICTWO
UNIwersytetu
ŁÓDZKIEGO

www.wydawnictwo.uni.lodz.pl
e-mail: ksiegarnia@uni.lodz.pl
tel. (42) 665 58 63, faks (42) 665 58 62

